

Biometrie und medizinische Informatik  
Greifswalder Seminarberichte

**Karl-Ernst Biebler,  
Bernd Jäger,  
Michael Wodny**

**Biometrische Methoden der Genomanalyse**

Shaker Verlag  
Aachen 2013

**Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek**

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

Copyright Shaker Verlag 2013

Alle Rechte, auch das des auszugsweisen Nachdruckes, der auszugsweisen oder vollständigen Wiedergabe, der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen und der Übersetzung, vorbehalten.

Printed in Germany.

ISBN 978-3-8440-1591-1

ISSN 1439-5320

Shaker Verlag GmbH • Postfach 101818 • 52018 Aachen

Telefon: 02407 / 95 96 - 0 • Telefax: 02407 / 95 96 - 9

Internet: [www.shaker.de](http://www.shaker.de) • E-Mail: [info@shaker.de](mailto:info@shaker.de)

# **Biometrie und Medizinische Informatik**

## **Greifswalder Seminarberichte**

Heft 21

### Zusammenfassung

Im Sommersemester 2012 wurde das Seminar Biomathematik für Studierende der Studiengänge BSc Biomathematik und MSc Mathematik und Informatik der Ernst-Moritz-Arndt-Universität als Blockveranstaltung durchgeführt. Diese fand vom 29.05. bis 1.6. in der Biologischen Station auf Hiddensee statt.

Zum Themenkreis „Mathematische Methoden in der Genetik“ bearbeiteten die Seminarteilnehmer Fragestellungen nach eigener Wahl oder nach Vorschlag des fachlichen Betreuers. Diese Beiträge wurden in einem Vortrag von etwa 90 Minuten dargestellt und ausführlich diskutiert. Die schriftlichen Ausarbeitungen dazu liegen in diesem Heft 21 der Reihe „Biometrie und Medizinische Informatik - Greifswalder Seminarberichte“ vor. Sie waren für die Studierenden die erste Gelegenheit, eine umfangreichere wissenschaftliche Arbeit während des Studiums eigenständig anzufertigen, mündlich sowie schriftlich darüber zu berichten und diese in eine Publikationsform zu bringen. Dem entsprechend wird man keine eigenen wissenschaftlichen Resultate erwarten. Man findet aber durchgerechnete oder rechentechnisch aufgearbeitete praxisrelevante Beispiele, die leicht auf neue Sachverhalte angewendet werden können.

Es ist bemerkenswert, mit welchem Einsatz hier weitgehend selbständig an den Themen gearbeitet wurde. Insbesondere die rechentechnischen Umsetzungen waren mit einem hohen Arbeitsaufwand verbunden, der im Nachhinein oft kaum noch sichtbar ist.

Die Themen der Beiträge sind im Einzelnen:

1. Die Anfänge der Populationsgenetik
2. Datenanalyse in der molekularen Genetik: Hochdimensionalität versus Beobachtungsumfang
3. Die Verwendung von Sparse Statistical Modelling in der Genexpressionsanalyse am Beispiel der Hauptkomponentenanalyse
4. Konfidenzschätzungen von Allelwahrscheinlichkeiten: nominales versus tatsächliches Konfidenzniveau
5. Methoden zur Analyse von Genkopplung
6. Familienbasierte Assoziationsanalyse bei einem Marker
7. Fall-Kontroll-Studien bei Betrachtung eines Genlocus
8. Gemeinsame Betrachtung mehrerer Loci und ihr Einfluss auf eine Erkrankung in Fall-Kontroll-Studien
9. Wright-Fisher-Modell: Grundmodell und Variation
10. Berechnung phylogenetischer Stammbäume